

sizenando.andrade@gmail.com

Palavras-chave: *Hevea*, *Microcyclus ulei*,
Mal das folhas, biblioteca de cDNAAndrade Junior, SJ; Sousa, LA; Vidal, R; Gesteira, AS; Micheli, F; Cascardo, JCM; Garcia, D
Laboratório de Genética e Biologia Molecular, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Santa Cruz

Genes prováveis de resistência envolvidos na interação *Hevea* – *Microcyclus ulei*

O Mal-das-folhas, provocado por um ascomiceto, *Microcyclus ulei*, é o principal responsável pelo pequeno desenvolvimento da heveicultura na América Latina. Desde 1991, o programa de melhoramento genético realizado pelo Cirad e a Michelin tenta co-selecionar bom nível de produção de látex com resistências duráveis, condições imprescindíveis para um cultivo perene. Prévios estudos de mapeamento genético e detecção de QTLs em seringueira, mostram que a resistência ao *Microcyclus ulei* envolve pelo menos três regiões cromossômicas, *g13*, *g15*, *g2* (Lespinnasse, D *et al.*, 2000). O presente trabalho tem como objetivo descrever uma das primeiras bibliotecas subtrativas de cDNA obtida a partir do genótipo tolerante MDF 180, no qual se observa um fraco desenvolvimento da fase assexuada (12 dias a.i.) e a ausência da fase sexuada do fungo (24 dias a.i.). Para tanto, o RNA total foi extraído com o kit Concert® plant RNA extraction (Invitrogen, France) de folhas saudáveis e infectadas (em condições controladas) 4, 10, 16, 22 e 28 dias a.i. SMART cDNA da planta saudável e infectada foram produzidos a partir do mix dos RNAs totais (tratado com DNase) com SMART-PCR cDNA kit (Clontech, Palo Alto, CA). Uma biblioteca subtrativa entre cDNA de planta infectada e saudável, foi obtida usando o PCR-Select cDNA Subtraction kit (Clontech). Os fragmentos de cDNA foram ligados no pGem-T easy vector (Promega, Madison). Até o momento, de um total de 2700 clones ESTs, 864 foram seqüenciados. BLAST N e BLAST X em GenBank CDS permitiram encontrar homologia de seqüências para 276 clones de cDNA. 39 seqüências (14%) codificam proteínas desconhecidas. Entre as grandes classes funcionais detectadas, aparecem genes envolvidos em via de regulação de proteínas (protease, ubiquitin), na proteção dos tecidos (SOD, ascorbate oxidase, peroxidase), canais e transportadores proteicos (Ca⁺ ATPase, H⁺ ATPase), genes de regulação (myb transcription factor, zinc finger family protein), receptores e transdutores (kinases, auxin binding protein). Relacionados a sintomatologia da doença e as observações histológicas (Sambugaro, R *et al.*, 2004), esses primeiros resultados são discutidos. ■

Apoio financeiro : FAPESB, CNPq, Plantações Michelin da Bahia, MAE, CIRAD.